





OC Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominoidea; Homo.  
 NCBI\_TaxID=9606;  
 RN [1]  
 RP SEQUENCE FROM N.A.  
 RA Zheng S.; Cao J.; Cao W.; Cai X.; Geng L.;  
 RT "Identification and characterization of SNCF3, a gene which is down-  
 regulated in colorectal cancer.";  
 RT Submitted (JUN-1998) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.  
 CC -!  
 DOMAIN.  
 DR EMBL; ARQ067420; AAC19365.1; -.  
 DR HSSP; P0125; 7FAB.  
 DR InterPro; IPR003006; -.  
 DR InterPro; IPR003597; -.  
 DR Pfam; PRO0047; 19; 3.  
 DR PROSITE; PS00290; IG\_MHC; UNKNOWN\_1.  
 DR SMART; SM00407; IgC1; 1.  
 DR SEQUENCE 384 AA; 40947 MW; BA7ADC3CA5A9DD48 CRC64;

Query Match 19.2%; Score 477; DB 4; Length 384;  
 Best Local Similarity 33.7%; Pred. No. 2.2e-29; Matches 131; Conservative 60; Mismatches 154; Indels 44; Gaps 19;

QY 92 AVVYCARAGAYV----FDYWGQGTIVTSSAKTTPPSVYPLAPGCGDTGSSVTLGCL 146  
 2 AVVYCV--SGGIYDSSGPFIDWQGTLTVSSAAPSPTSPKVFPFLS-CSTQPDGVNVIACL 58  
 QY 147 VKGFGP-ESVTWVWNSSLSVSVTFPALLQSG--LYMNSSTVVPSS-TWPSSQTVCSV 202  
 59 VGGFPPOEPLSVTWSSESGQGVTAARNFPPSQDASQDLYPTTSQQLPLATQCLAGRKSVTCV 118  
 QY 203 AH--PASSTIVVKLESD---GPISINPPCKFCHKCPAPNLGGPSVFFPPN 254  
 Db 119 KHYTNPSQDQVTVPCCPV-PSTPPPTSPSPSPTRPSPSC-CH-----PRLSLRPAL 165  
 QY 255 KDVIMISLTPKVTICVVWDVSEDDPDUQTSWFVNNEVHTAQTOHQTHREDYNTIRVSTLP 314  
 166 EDLILGS-EANLTCTLGL-RDASQVTTWTPSSKG--SAVQGPERDLCGCVSSVSLP 221  
 QY 315 IOHDWMSGSKFKKVNNKDLPLSPPIERISKIKGVRAPOVYIIPPPABQLSRKD-VSIT 373  
 222 GCAEPWNHKGKFTCTAAVPEKSTPLATISK-SGNTFRPEVHLIPPPSEBELANELVLT 280  
 QY 374 CLVWGENGNGDISFEWTNSGH-TEENYKDAPVD-DIG--SFYFYSKLNMKSSKWEKD 428  
 Db 281 CLARGFSPKDVLYFWLQLQSOELPREKYLTWASRQEPSCQTTEFAVTSILRVAADWKGD 340  
 QY 429 SFSCSNVRHEGLKNVYLKKTISRSEFGKKH 457  
 :||| :||| :||| :||| :||| :|||  
 Db 341 TFSOMVGHEALPLAFTQKTDRLAGKPH 369

RESULT 6  
 Q9JL75 PRELIMINARY; PRT; 109 AA.  
 ID Q9JL75  
 AC 09JL75  
 DT 01-OCT-2000 (TREMBREL. 15, Created)  
 DT 01-MAR-2001 (TREMBREL. 16, Last sequence update)  
 DR ANTI-MIOSIN IMMUNOGLOBULIN HEAVY CHAIN VARIABLE REGION (FRAGMENT).  
 OS Mus musculus (Mouse).  
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Butteleostomi;  
 RA Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.  
 RC [1]  
 RP SEQUENCE FROM N.A.  
 RA Strain=BALB/C;  
 RA Malkiel S.; Liao L.; Cunningham M.W.; Diamond B.;  
 RT "Characterization of cross-reactive monoclonal anti-miosin/anti-n-  
 acetyl-glucosamine antibodies from mice with autoimmune myocarditis.";  
 RT Submitted (NOV-1999) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.  
 DR EMBL; ARF06301; ARF69329; 1; -.  
 DR InterPro; IPR003006; -.  
 DR InterPro; IPR003596; -.  
 DR Pfam; PRO0047; 19; 1.  
 DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT 109  
 SQ SEQUENCE 109 AA; 12118 MW; FEG65E441BBF936A6 CRC64;

Query Match 16.6%; Score 414; DB 11; Length 109;  
 Best Local Similarity 73.4%; Pred. No. 3.8e-25; Matches 80; Conservative 7; Mismatches 22; Indels 0; Gaps 0;

QY 10 ELVKRGASVNMISCNMSVASYRTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGSIIFSPKFKGKAT 69  
 Db 1 ELVKRGASVNMISCNMSVASYRTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGSIIFSPKFKGKAT 60  
 QY 70 LTWDKSSSTAYMEURSLTSEDSAYVCAARRAGAYFDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 LTSDDKSSTAYMEULSLSLTSBDSSAVYCCARDGNYRGFDWQGQTLTVSS 109

RESULT 7  
 Q9ZIC4 PRELIMINARY; PRT; 118 AA.  
 ID Q9ZIC4  
 AC 09ZIC4  
 DT 01-MAY-1999 (TREMBREL. 10, Created)  
 DT 01-MAY-1999 (TREMBREL. 10, Last sequence update)  
 DR ANTI-PORCINE VCAM MAB 3F4 HEAVY CHAIN VARIABLE REGION (FRAGMENT).  
 OS Mus musculus (Mouse).  
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Butteleostomi;  
 DR Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.  
 DR Pfam; PRO0047; 19; 1.

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

DR SMART; SM00406; IgV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 117  
 FT NON\_TER 117  
 SQ 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84D499734 CRC64;

QY 1 EVOLQOSGBELVKKGASVMSICRSAYTTENTVHWVKOSHGSLEWIGGINPYGGSIF 60  
 1 EVOLQOSGBELVKPGASVNMICKASGYTFDYYMKWKVQSHGSLEWICDINPNNGTSY 60  
 QY 61 SPKGKATLIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAYVCAARRAGAY-FDWQGQTLTVSS 118  
 Db 61 NOKEKGKAHLTVDRSSSTAYMOLNLSLTSEDSAYVCAAR--DRVYAMDYWGQGSVTVSS 117

Query Match 18.4%; Score 458.5; DB 11; Length 117;  
 Best Local Similarity 75.6%; Pred. No. 1.4e-28; Matches 90; Conservative 11; Mismatches 15; Indels 3; Gaps 2;

CC SEQUENCE 117 AA; 13000 MW; CDDE2AF84



DR Pfam; PRO0047; ig; 6.  
 DR PROSITE; PS00290; Ig\_MHC; UNKNORN\_3.  
 DR SMART; SM00407; IgC1; 1.  
 KW SIGNAL. POTENTIAL.  
 FT CHAIN 1 18 NOVEL ANTIGEN RECEPTOR  
 SQ SEQUENCE 684 AA; 75224 MW; 2FFD2071CD46DFD CRC64;

Query Match 15.0%; Score 372.5; DB 13; Length 684;  
 Best Local Similarity 23.6%; Pred. No. 6.6e-21;  
 Matches 130; Conservative 88; Mismatches 205; Indels 129; Gaps 23;

QY 2 VOIQQSGPELVKGASVMSCRTSAYTEN-TWH-----VKOSHGE- 43  
 Db 145 VSLHSATEQRANRFLVOLCLISGY-YPENIAWSWOKNTKTTSGFATSPVKTSSND 203

QY 44 ---SL-----EMIGGINPYGSIFSEKEKAKAELWD---KSSSTAYMLRSSETED 90  
 Db 204 SCASLLKVQLOWE-----SRGSVYSCQVSHSATSSNRKEITRSTSEIAVLLRDPTEVE 256

QY 91 -----SAVYIC-----ARRAGAYF-----DY 107  
 Db 257 IWIKSNTLCEVILSTVAGVWYSAMNGKVRNEGVOMEPTIMSGNOLTSRLTSSVEE 316

QY 108 WSGGTTLAVSS-----AKTRPPSVPLAPSGD-TTGSSVTLGLVK 149  
 Db 317 WOSGVEVTCASKODQSSTPVVKRTKARVEPTPKHLRLLPSPPEIOTSSATTLCIRG 376

QY 150 YPPESVTVWNSG-SIASSVHFPALLOSGI-YTMSSVTPVSPSTWS-QWTCSTAH P 205  
 Db 377 FYPDKVSVSWQKDNNVSANVTNPFTLSTRSLNLNTAVENKGAKVCTCTASH P 436

QY 206 ASSTTVDKLLEPLGGPISTINPCPPCKECHKCAPNLLEGGSVIFPPNNIKDYLMSLTPK 265  
 Db 437 PSQSTVKRIV-----NQKDCRQP-----DISVSLKPFEET-WTQCAT 477

QY 266 VVICVVVVDSEDDPDVQISWFWVNNEVHTAQTOPTHREDYNSTIRVUSTLPIQHOHDWMGKE 325  
 Db 478 IVCEI-IWSDLENLKVFWQVNGVERRKGVETQNPENSGSKSTIVSKLKVMASEWDSGTE 535

QY 326 EKCKVNNKDLPSERTTSKIK-GLVAPQVYILLPPAEQI-SRKDSLTCAVGFGRGD 383  
 Db 536 YYCILVEDSELEPTPKASIRKANYQMPKPVYLHPSTDEIDTENSATLMCLATNFHFAE 595

QY 384 ISWEWTSGH-TEEENYKDTAPVLDSDGSYIFIISKLNMTSKWERTDSFSCNVRHREGKNY 442  
 Db 596 IYWGWMANDLSDGSYRQDVSEKGSSSFVDRRITAEEANDTDYSCVNGHPSLRD 655

QY 443 YLKKTISRPGK 454  
 Db 656 LIRST-NKSNKG 666

RESULT 11

QY2298 PRELIMINARY; PRT; 150 AA.

ID Q9Y298 CC DOMAIN

AC Q9Y298; CC DOMAIN

DT 01-NOV-1999 (TREMBREL. 12, Created)  
 DT 01-NOV-1999 (TREMBREL. 12, Last sequence update)  
 DT 01-MAR-2001 (TREMBREL. 16, Last annotation update)

DE IGG VH PROTEIN PRECURSOR (FRAGMENT).

GN VHL.

OS Homo sapiens (Human).

OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarhini; Hominidae; Homo.

OX NCBI\_TAXID9606; RN [1]

RP SEQUENCE FROM N.A.

RA Jox A., Zander T., Kueppers R., Irsch J., Kanzler H., Kornacker M., Bohlen H., Diehl V., Wolf J.,

RT "Absence of immunoglobulin in Hodgkin-Reed Sternberg cells of a patient with mixed cellularity Hodgkin's disease is associated with somatic mutations within the untranscribed regions of rearranged and class switch recombinated Ig genes.", TISSUE-BRIPERIAL BLOOD;

RT Submitted (ARR-1988) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.  
 RT -SIMILARITY: TO IMMUNOGLOBULIN AND MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX

CC DOMAIN

DR EMBL; AU005570; CRA06599.1; .

DR InterPro; IPR003006; .

DR InterPro; IPR003506; .

DR Pfam; PRO0047; ig; 1.

DR SMART; SM00406; Igv; 1.

KW SIGNAL.

FT SIGNAL. 1 21 POTENTIAL.

FT NON\_TER 157 AA; 17304 MW; 86986EDDA84D88B5 CRC64;

FT SEQUENCE 150 AA; 16031 MW; 563D164AB22802D5 CRC64;

RT inhibitor.";  
 RL Blood 92:496-506(1998);  
 CC - SIMILARITY: TO IMMUNOGLOBULIN AND MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX  
 CC DOMAIN.

DR EMBL; AU1224033; CAA11829.1; .

DR InterPro; IPR003006; .

DR Pfam; PRO0047; ig; 1.

DR SMART; SM00406; Igv; 1.

KW SIGNAL.

FT NON\_TER 150 AA; 16031 MW; 563D164AB22802D5 CRC64;

Query Match 14.9%; Score 369.5; DB 4; Length 157;  
 Best Local Similarity 51.9%; Pred. No. 1.8e-21;  
 Matches 70; Conservative 25; Mismatches 35; Indels 5; Gaps 2;

QY 1 EVOLQQSGPELVKGASVMSCRTSAYTEN-TWH-----VKOSHGE- 43

CC DOMAIN:  
 DR EMBL; AF035022; AAD56258.1; -.  
 DR InterPro; IPR003006; -.  
 DR InterPro; IPR003596; -.  
 DR Pfam; PF00047; 1g; 1.  
 DR SMART; SM00406; IGV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 124 AA; 124  
 SQ SEQUENCE 13580 MW; 1BAAACBD96ACD2A2 CRC64;

RESULT 13  
 ID Q9GY22 PRELIMINARY; PRT; 119 AA.  
 AC OGYZZ2;  
 DT 01-MAR-2001 (TREMBLel. 16, Created)  
 DT 01-MAR-2001 (TREMBLel. 16, Last sequence update)  
 DE MONOCLONAL ANTI-IDIOTYPIC ANTIBODY NP30 HEAVY CHAIN VARIABLE REGION (FRAGMENT).  
 OS Schistosoma japonicum (Blood fluke).  
 OC Eukaryota; Metazoa; Platyhelminthes; Rhabditophora; Nematoda;  
 Trematoda; Digenea; Strigelida; Schistosomatidae;  
 OC Schistosoma.  
 OX NCBI\_TAXID=6182;  
 RN [1]  
 RP SEQUENCE FROM N.A.  
 RA Song X.T.; Feng Z.Q.; Guan X.H.;  
 RT "Amplification, cloning and sequence analysis of the heavy chain variable region gene of monoclonal anti-idiotypic antibody NP30 of Schistosoma japonicum.",  
 RL Submitted (JUN-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.  
 DR EMBL: AF282622; AAG01452.1; -.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 119 AA; 13567 MW; BAB93873RD5FAGAB CRC64;

Query Match 14.7%; Score 366.5; DB 5; Length 119;  
 Best Local Similarity 60.5%; Pred. No. 2.2e-21; Indels 1; Gaps 1;  
 Matches 72; Conservative 17; Mismatches 29; Indels 1; Gaps 1;

Query Match 14.7%; Score 366.5; DB 5; Length 119;  
 Best Local Similarity 60.5%; Pred. No. 2.2e-21; Indels 1; Gaps 1;  
 Matches 72; Conservative 17; Mismatches 29; Indels 1; Gaps 1;

Qy 1 EVOLQSGPELVKPGASVMSICRISAYTFTENTVHWKOSHGESLEWIGGINPYGGSTF 60  
 1 QVOLVESGAELVKPGASVRSCKASGTYFTGIGYMMWNRQAPGHGLEWIGYINPSRGYTN 60  
 Qy 61 SPKEFGKATIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAVYCARRAGAYY-FDWKGQFTILTVSS 118  
 : ||| : |:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||:||| |||

Query Match 14.4%; Score 358.5; DB 11; Length 109;  
 Best Local Similarity 63.3%; Pred. No. 8.1e-21; Indels 1; Gaps 1;  
 Matches 69; Conservative 13; Mismatches 26; Indels 1; Gaps 1;

Qy 10 ELVKPGASVMSICRISAYTFTENTVHWKOSHGESLEWIGGINPYGGSTF 69  
 2 ELVKPGASVLSCTASGFNTEDTYHWWKQRPGEGLWEIGRIDLDPATHSKYDPKFQGKAT 61  
 DB 70 LIVDKSSSTAYMELSLTSEDSAVYCARRAGAYYFDWKGQFTILTVSS 118  
 62 ITSDISNTAYLQLSLSLTSEDAVYYCVRR-GAVVFDWKGQFTALTIVSS 109  
 CC DOMAIN:  
 DR EMBL; AF035022; AAD56258.1; -.  
 DR InterPro; IPR003006; -.  
 DR InterPro; IPR003596; -.  
 DR Pfam; PF00047; 1g; 1.  
 DR SMART; SM00406; IGV; 1.  
 FT NON\_TER 1  
 FT NON\_TER 124 AA; 124  
 SQ SEQUENCE 13580 MW; 1BAAACBD96ACD2A2 CRC64;

Query Match 14.6%; Score 364; DB 4; Length 124;  
 Best Local Similarity 56.3%; Pred. No. 3.6e-21; Indels 10; Gaps 2;  
 Matches 71; Conservative 19; Mismatches 26; Indels 10; Gaps 2;

Qy 1 EVOLQSGPELVKPGASVMSICRISAYTFTENTVHWKOSHGESLEWIGGINPYGGSTF 60  
 1 EVOLVESGAEVKKPGASVSKCKASGTYFTGIGYMMWNRQAPGHGLEWIGYINPSRGYTN 60  
 DB 61 AOKFGRVTRMDTISTVNMELSLRSDDTAVYYCAR--GLVYVWPAFSRFDWKGQT 118  
 Qy 113 LTIVSS 118  
 DB 119 LTIVSS 124

Search completed: June 18, 2001, 15:34:08  
 Job time: 231 sec

Tue Jun 19 08:18:18 2001

us-09-653-755a-6.rspt

